RÉSUMÉ DE THÈSE

La répétitivité des clades comme critère de fiabilité: application à la phylogénie des Acantomorpha (Teleostei) et des Notothenioidei (acanto-morphes antarctiques), par Wei-Chen, Muséum national d'Histoire Naturelle, Laboratoire d'Ichtyologie générale et appliquée et Service de Systématique moléculaire (FR CNRS 1541), 45 rue Cuvier, 75231 Paris cedex 05, France. [weichen@mnhn.fr]

Thèse de doctorat de l'Université Pierre et Marire Curie, 2001, 344 p.

Les Acanthomorpha constituent un tiers des espèces de vertébrés actuels. La phylogénie de ces téléostéens est très peu connue et reste certainement l'un des chantiers majeurs de l'ichtyologie systématique de demain. L'insuffisance de nos connaissances de la phylogénie de ce groupe bloque les investigations phylogénétiques à plus petite échelle, par exemple la recherche du groupe-frère des Notothenioidei, perciformes antarctiques auxquels nous nous sommes également intéressés, et plus généralement la recherche d'extra-groupes pour l'investigation de la phylogénie de n'importe quel ordre, sous-ordre ou famille d'acanthomorphes. Quatre gènes ont été séquencés pour plus de 72 taxons. Les propriétés de chacun de ces gènes ont été évaluées. La stratégie de leur analyse phylogénétique se fonde sur les avantages respectifs des analyses séparées et simultanées. Nous tenons pour essentielles les analyses séparées (sans consensus) afin d'évaluer la fiabilité des clades à travers leur répétitivité, et ceci quelle que soit leur robustesse statistique. De plus, l'arbre issu de l'analyse simultanée fournit la topologie sur laquelle l'histoire des caractères pourra être obtenue, et généralement une meilleure robustesse statistique. Compte tenu de l'impossibilité d'attribuer une quelconque fiabilité à un arbre issu d'une seule analyse (la robustesse statistique n'est pas la fiabilité), c'est la répétitivité des clades issue des analyses séparées qui atteste le degré de confiance que nous accordons aux clades issus de l'analyse simultanée. L'analyse séparée conduit à une analyse fine de la congruence taxonomique. Deux nouvelles procédures ont été mises au point afin d'interpréter la répétitivité des clades. L'analyse des "composants répétés du bootstrap" permet d'empêcher un signal statistiquement fort mais non répété d'imposer sa topologie en analyse simultanée. Cette procédure est destinée à filtrer les conséquences phylogénétiques des biais de composition affectant une partie des taxons dans un seul gène. L'analyse des "core-groups" et des "clades de référence" permet d'interpréter les répétitivités partielles (par exemple lorsqu'un taxon s'"échappe" de son clade dans un seul des arbres). Ces procédures ont permis d'identifier une partie des 11 nouveaux clades que nous avons pu détecter dans la radiation des Acanthomorpha. L'une des questions qui nous intéressait tout particulièrement, identifier le groupe-frère des Notothenioidei, a pu recevoir une réponse. Il s'agit des Percidae, ce qui représente un hiatus biogéographique et paléontologique important. Enfin, des travaux plus précis ont été menés. Le premier travail concerne la phylogénie fine des Notothenioidei tardifs: les familles des Harpagiferidae, Artedidraconidae, Bathydraconidae, et Channichthyidae. La phylogénie complète des Channichthyidae, fameux poissons des glaces sans hémoglobine, a été résolue et apparaît congruente avec les travaux d'anatomie antérieurs. Les Bathydraconidae se subdivisent clairement en trois clades qui pourraient avoir valeur de sous familles. Les relations de ces trois clades entre eux et à l'égard des Channichthyidae ne sont pas résolues. Les Harpagiferidae et Artedidraconidae sont deux familles sœurs. Le second travail concerne l'un de nos marqueurs destinés à élucider la phylogénie des Acanthomorpha: la rhodopsine, pigment visuel. Une comparaison des séquences en acides aminés aux positions critiques pour l'absorption de certaines longueurs d'ondes entre taxons vivant dans des milieux diversement éclairés montre qu'il n'y a pas de rapport simple entre les mutations affectant ces positions et l'accord spectral entre le système visuel d'un téléostéen et la lumière qui l'environne.

Summary.: Recurrence of clades as a criterion of reliability: Application to the phylo-genies of the Acantomorpha (Teleostei) and the Notothenioidei (Antarctic acantomorphs).

Acanthomorph fishes represent one third of the extant vertebrate biodiversity. The phylogeny of the group is so poorly known that it remains one of the major challenge for the future of systematic Ichthyology. This lack of knowledge limits our ability to choose the correct outgroup when the phylogeny of smaller groups like orders or suborders is investigated, for instance the phylogeny of the Notothenioidei, a suborder of Antarctic perciforms to which our

interest was also devoted. Four genes were sequenced for more than 72 taxa. Properties of each gene were studied. The strategy for their phylogenetic analysis is based on a combination of advantages of separate analyses and simultaneous analyses. Separate analyses (without consensus) are crucial for assessing reliability of phylogenetic inferences from repeatability of clades, whatever the statistical robustness associated. Simultaneous analysis is also important for establishing the tree on which the history of characters will be obtained, moreover generally with better statistical robustness. However, in molecular phylogenetics, it is impossible to assess reliability from a single analysis, even from the combination of all the available data (statistical robustness is not reliability). The reliability of clades found from the simultaneous analysis is evaluated from their repeatability in separate analyses. Evaluating repeatability needs a precise analysis of taxonomic congruence. New procedures have been created for this purpose. The analysis of "bootstrap repeated components" avoids that a single strong signal from a single data set imposes the topology in the simultaneous analysis. This is made for limiting the phylogenetic impact of "positively misleading homoplasy", also called "non-random homoplasy", for instance a strong composition bias shared by some taxa in only one gene. The analysis of "core-groups" and "parental clades" allow to identify incomplete repeatabilities, for instance when a taxon escapes from its clade ("parental clade") in only one tree based on a particular gene and not in other trees (based on other genes). These procedures allowed to identify some of the 11 new acanthomorph clades that we could detect from the bush. One of the main question was to identify the sister-group of the Notothenioidei. Surprisingly, this group is the family Percidae, which imposes an important geographical and palaeontological gap. Two other works have been made. First, we were interested in resolving the phylogeny of higher notothenioids, composed of the families Harpagiferidae, Artedidraconidae, Bathydraconidae, and Channichthyidae. The complete phylogeny of the channichthyids was resolved (the famous hemoglobin-less icefishes) and was congruent with previous phylogenetic hypotheses based on anatomy. Bathydraconids are clearly composed of three clades that could be subfamilies, but interrelationships of these three are unresolved. Harpagiferids and artedidraconids are sister-families. Second, we have explored the amino-acid sequence of the rhodopsin (a visual pigment), one of our marker used for acanthomorph phylogeny. A comparison of sequences at positions crucial for absorption of the pigment at certain wavelengths between fishes living in different light environments showed that there is no simple relationship between mutations at these positions and the spectral fit of the visual system of a fish to the light in which it lives.

Key words. Acantomorpha - Notothenioidei - Separate analysis - Molecular phylogeny.